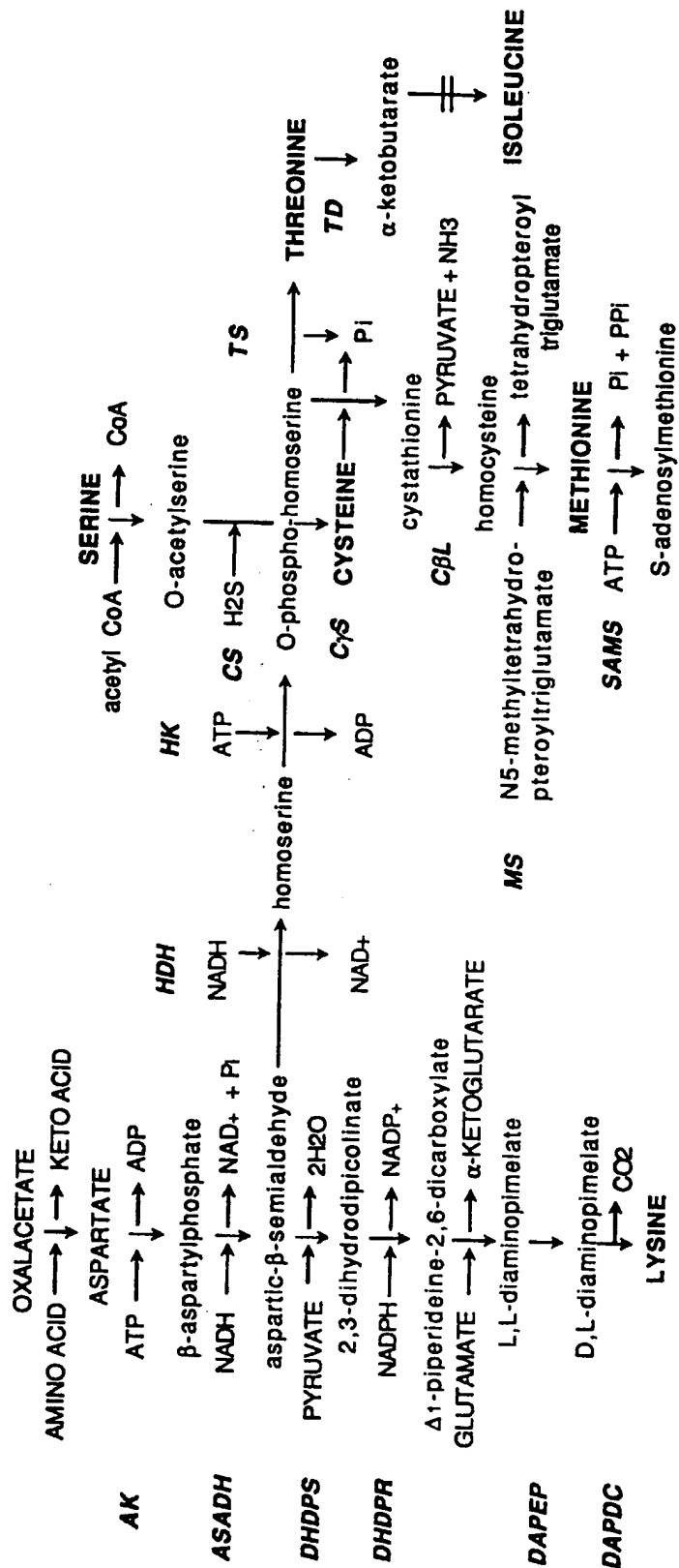


1/18

FIG. 1



2/18

FIG. 2

SEQ ID NO: 4	1	60
SEQ ID NO: 2	KIGRRNAA...	
SEQ ID NO: 5	AGQISGMD.EPLEI	
		MANQDLIPVVVNGAAGKMGREVIKAVAQAPDLQLVGAVDHNPSLQGGDIGEVVGIAPLEV	
SEQ ID NO: 4	61KVLCSQTQMPSPQSTI.....	120
SEQ ID NO: 2	KVVIIGATKEIGRTAIAAVSKARGMELAGAIID.	
SEQ ID NO: 5		PVLNDLTMVLGSLAQSRATGVVDFSEPSAVYDNVKQAAAGLSSVWYVPKIELETVTTEL	
		PVLADLQSVLVLATQEKIQGMVDFTHPSGVYDNVRSIAIAYGVRPVVGTTLGLSEQQIQDL	
SEQ ID NO: 4	121S.QCI...GLDAGEI.....	180
SEQ ID NO: 2		SAFCEKAS.GCLVAPTLSIGSVLLQQAIIQASFHYSNVEIVESRPNP.SDLPQDRIQIA	
SEQ ID NO: 5		GDFAEKASTGCLIAPNFAIGVLLMQQAQVACQYFDHVEIIELHHNQKADAPSGTAIKTA	
SEQ ID NO: 4	181	..LNDLTMV.....LGSIAQTRA.....	240
SEQ ID NO: 2		NNISDLGQIYNR...EDMDSSSPARGQLLGEDGVRVHSMVLPGLVSSSTINFSGGEMYT	
SEQ ID NO: 5		QMLAEMGKTFFNPFAVEEKETIAGAKGGL.GPGQIPHSIRLPGLIAHQEVLFSGSPGQLYT	
SEQ ID NO: 4	241	NVKQA.....	276
SEQ ID NO: 2		LRHDVANVQCLMPGLILAIRKVVRFKNLIYGLEKFL	
SEQ ID NO: 5		IRHDTTDRACYMPGVLGIRKRWELKGLVYGLEKLL	

3/18

FIG. 3

```
SEQ ID NO: 7 1 L..... 60
SEQ ID NO: 9 VS.....
SEQ ID NO: 11 MAITATISVPLTSPSRRTLTSVNSLSPLSTRSLTPQRTFKYPNSRLVWSSMSTETAVK
SEQ ID NO: 13 .....
SEQ ID NO: 14 .....

SEQ ID NO: 7 61 ..... 120
SEQ ID NO: 9 .....
SEQ ID NO: 11 TSSASFLNRKESGFLHFAKYHGLGNDVFLIDNRDSEPKISAEKAVQLCDRNFVGADGV
SEQ ID NO: 13 .....ALHFVKYQGLGNDFIMVDNRDSAVPKVTPPEAAKLCDRNFGXGADGV
SEQ ID NO: 14 .....MALSFSKYHGLGNDFILVDNRQSTPECLTPDQAQQLCDRHFEGIGADGV

SEQ ID NO: 7 121 ..... 180
SEQ ID NO: 9 IFVMPGVNGADYTMRIFNSDGSEPEMCGNGVRCFARFIAELENLQGTNRFTIHTGAGKIV
SEQ ID NO: 11 IFVLPGISGTDYTMRIFNSDGSEPEMCGNGVRCFARFIAELENLQGTSHFSFKIHTGAGLII
SEQ ID NO: 13 IFVLPGVNGADYTMRIFNSDGSNNRWX.GFV.....
SEQ ID NO: 14 IFALPGQGGTDYTMRIFNSDGSEPEMCGNGIRCLAKFLADLEGVEEK.TYRIHTLAGVIT

SEQ ID NO: 7 181 ..... 240
SEQ ID NO: 9 PEIQSDGQVKVDMGEPILSGLDIPTKLLATKNKAVVQAEALAVEGLTWHVTCVSMGNPHCV
SEQ ID NO: 11 PEVLEDGNVRVDMGEPVLKALDVPTKLPAKNDNAVVKSQLVVDGVIWHVTCVSMGNPHCV
SEQ ID NO: 13 .....
SEQ ID NO: 14 PQLLADGQVKVDMGEPQLLAELIPTTLAPAGEK.VVDLPLAVAGQTWAVTCVSMGNPHCL
```

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

5/18

FIG. 4

```

1  ASSSLFQSLPESLQTSK.PYAPPKPAAHFVRA.....QSPLTQNNSSSKHRRPAD
50
SEQ ID NO:24
SEQ ID NO:25
SEQ ID NO:27
LSSCLFNASVSSLNPKQDPIRRHRSTSLLRHPVVISCTADGNNIKAPIETAVKPPHRTE

61
SEQ ID NO:20
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24
SEQ ID NO:26
SEQ ID NO:27
DNRDEARR.NRSNAVNPFSAKYVPENA...APGSTESYSLSLDEIVYRSRSGGLLDVEHDM
120
.....MENGAATNGASEKSHSPS
ENIRDEARRINAPHDHLFSAKYVPFNADSSSSSTESYSLSLDEIVYRSQSGGLLDVQHDM

121
SEQ ID NO:16
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24
SEQ ID NO:26
SEQ ID NO:27
EALKRFDGAYWRDLFDSRVGKSTWPYGSVWSKKEWVLP EIDDDDDIVSAFE GNSNLFWAE
180
.....QTYLSTRGDCYGLSFETVV.....
DALKREDGEYWRNLFDSRVGKTTWPYGSVWSKKEWVLP EIHDDDDIVSAFE GNSNLFWAE
EALKRFDGAYWRDLFDSRVGKSTWPYGSVWSKKEWVLP EIDDDDDIVSAFE GNSNLFWAE

181
SEQ ID NO:16
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24
SEQ ID NO:26
SEQ ID NO:27
RFGKQFLGMNDLWVKHGGISHTGSFKDLGMTVLVSQVNRLRKMKRPVVGVCSTGDTSA
240
.....VGCASTGDTSA
LKGLAADGGLFPEEVPAAATEWQSWKDLPTYELAVKV.....
RFGKQFLGMNDLWVKHCGISHTGSFKDLGMTVLVSQVNRLRKMKRPVVGVCSTGDTSA
RFGKQFLGMNDLWVKHGGISHTGSFKDLGMTVLVSQVNRLRKMKRPVVGVCSTGDTSA

```

6/18

FIG. 4 (Continued)

SEQ ID NO:16	241	ALSAYCAAAGIPAIVFLPADRISLQQLIQPIANGATVLSLDTDFDGCMLIREVTAE	300
SEQ ID NO:18		
SEQ ID NO:20		.LSLYISPAEVPTE.....DLRALVER.....	
SEQ ID NO:22		
SEQ ID NO:24		ALSAYCASAAPISIVFLPANKISLAQLVQPIANGAFVLSIDTDFDGCMLIREVTAE	
SEQ ID NO:26	LIQPIANGATVLSLDTDFDGCMLIREVTAE	
SEQ ID NO:27		ALSAYCASAGIPSIVFLPANKISMAQLVQPIANGAFVLSIDTDFDGCMLIREITAE	
	301		360
SEQ ID NO:16		YLANSLNPL.RLEGQKTAIEILQQFNWQVPDWVIVPGGNLGNIAFYKGFEMCRVLGLV	
SEQ ID NO:18		
SEQ ID NO:20	SYSTFRSKEVVPLVKLEDNLHLELFHGPNSF.....	
SEQ ID NO:22		
SEQ ID NO:24		YLANSLNSL.KLEGQKTAIEILQQFDWQVPDWVIVPGSNLGNIAFYKGFQELGLV	
SEQ ID NO:26		YLANSLNSL.XLEGQKTAIRDIATXNQVPLGHIPRRQSXTFYAFLQGF.....	
SEQ ID NO:27		YLANSLNSL.RLEGQKTAIEILQQFDWQVPDWVIVPGGNLGNIAFYKGFQELGLV	
	361		420
SEQ ID NO:16		DRVPRLVCAQAANANPLYRYKSGWTEFEPQTAETTFASAIQIGDPVSVDRVVALKATD	
SEQ ID NO:18	KDCALQFLGNLXEYF.....	
SEQ ID NO:20		
SEQ ID NO:22		DKIPRLVCAQAANADPLYLYFKSGWKEFKPVKSSTTFASAIQIGDPVSDRAVHALKSCD	
SEQ ID NO:24		
SEQ ID NO:26		DRIPRMVCAQAANANPLYLHYKSGWKDFKPMTASTTFASAIQIGDPVSDRAVYALKKN	
SEQ ID NO:27			
	421		480
SEQ ID NO:16		GIVEEATEEELMDATALADRTGMFACPHGTGVALAALFKLQQRRIIGPNDRTVVSTAHGL	
SEQ ID NO:18		
SEQ ID NO:20		
SEQ ID NO:22	DAMVQADSTGMFICPHTGTGVALAALIKLRNRSVIGAGERVVVSTAHGL	
SEQ ID NO:24		GIVEEATEEELMDATAQADSTGMFICPHTGTGVALTALFKLRNSGVIKATDRTVVVSTAHGL	
SEQ ID NO:26		

FIG.4 (Continued)

SEQ ID NO: 27	GIVEEATEEEELMDAMAQADSTGMFICPHTGTGVALTALFKLRNQGVIAPTDRTVVVSTAHGL
SEQ ID NO: 16	481 KFTQSKIDYHDKNIKDMVCQYANPPISVKADEFGSVMVDVLQKN.....LNGKI... 537
SEQ ID NO: 18MACKYSNPPVSVKADEFGAVMDVLKKR.....LKGKL....
SEQ ID NO: 20
SEQ ID NO: 22	KFAQSKIDYHSGLIPGMG.RYANPLVSVKADEFGSVMVDVLKDSCTTSPPTLTSLDVAK
SEQ ID NO: 24	KFTQSKIDYHDKIDKDMACRYANPPMQVKADEFGSVMVDVLKTY.....LQSKA..H
SEQ ID NO: 26
SEQ ID NO: 27	KFTQSKIDYHSNAIPDMACRFSNPPVDVKADEFGAVMDVLKSY.....LGSNTLTLS

8/18

FIG. 5

SEQ ID NO: 29	1	60
SEQ ID NO: 31		
SEQ ID NO: 33		
SEQ ID NO: 34		MASHDYLLKKILTARVYDVAFETELEPARNLSARLRNPVYLKREDNQPVSEFKLRGAYNKM	
	61	120
SEQ ID NO: 29		
SEQ ID NO: 31		
SEQ ID NO: 33		
SEQ ID NO: 34		AHIPADALARGVITASAGNHAQGVAFSAARMGVKAVIVVPVTPQVKVDVRAHGGSPGVE	
	121	180
SEQ ID NO: 29		SYDEAQSAYAK.....LRCQQE.GRTEVPPFDHPDVTGQGTIGMEIVRQLQGPLHAI FVP	
SEQ ID NO: 31		
SEQ ID NO: 33		
SEQ ID NO: 34		VIQAGESYSDAYAHALKVQEEERGLTFVHPFDDPYVIAGQGTIAMEILRQHQQGPIHAI FVP	
	181	240
SEQ ID NO: 29		VGGGGLIAGIAAYVKVRPEVKIIGVEPSDANAMALSLCHGKRVMLEHVGGFADGVAVKA	
SEQ ID NO: 31		
SEQ ID NO: 33		
SEQ ID NO: 34		IGGGGLAAGVAAYVKVRPEIKVIGVQAEDESCAMAQSLQAGKRVELAEVGLFADGTAVKL	
	241	300
SEQ ID NO: 29		VGEETFRLCRELVDGIVMVS RDAICASIKOMFEKRSILEPAGALALAGAEAYCKYYNLK	
SEQ ID NO: 31		
SEQ ID NO: 33		
SEQ ID NO: 34		VGEETFRLCKEYLDGVVTVDTDALCAAIKDVFQDTRSVLEPSGALAVAGAKLYAERE GIE	

9/18

FIG.5 (Continued)

301	SEQ ID NO:29	GETVVAITSGANMNFDRRLRLVTELDVGRKREAVLATFLPERQGSFKKFTLVGRMNITE	360
	SEQ ID NO:31	..NIVAITSANMNFEDKLRVVTELANVGRKQEAVALTVMAEPPGSKQFCELVGQMNITE	
	SEQ ID NO:33	
	SEQ ID NO:34	NQTLVAVTSGANMNFDRMREFAERAEEVGEAREAVFAVTIPEERGSEKRFCSLVGDRNVTE	
361	SEQ ID NO:29	FKYRYDSNAKDVLVSVGIYTDNELGAMMDRMESAKLRTVNLTNDLAKDHLRYFIGGR	420
	SEQ ID NO:31	FKYRYNSNEK.AVVLYSVGVHTISELRAMQERMESQLKTYNLTESDLVKDHLRYLMGGR	
	SEQ ID NO:33	
	SEQ ID NO:34	FNRYI.ADAQSAHIFVGVQIRRRGESADIAANFESHGFKTADLTHDELSKEHIRYMVGGR	
421	SEQ ID NO:29	SEIK.DELVYRFIFPERPGALMKFLDTFSPRWNISLFHYRAQGEAGANVLVGIQVPPAEF	480
	SEQ ID NO:31	SNVQ.NEVFVVSXPXPRKTGALMKFLDXFSPRWDISL.....	
	SEQ ID NO:33RPGALMKFLDFSPRWNISLFHYRGEGETGANVLVGIQVPPKSEM	
	SEQ ID NO:34	SPLALDERLFRFEFFPERPGALMKFLSSMAPDWNISLFHYRNQGDYSSILVGLQVPQADH	
481	SEQ ID NO:29	DEFKSHANNLGYEYMSEHNNNEIYRLLLRDPKV	512
	SEQ ID NO:31	
	SEQ ID NO:33	DEFHDRANKLGYDYKVNNDDDFQLMH.....	
	SEQ ID NO:34	AEFERFLAALGYPYVEESANPAYRLFLS.....	

10/18

FIG. 6

```

SEQ ID NO:36 126 GCAGATCAAAGAAGATGGCAGCTCTCGACACCTTCTTCACTCGGAGTCTGTGAACG 185
      ||||| ||||| ||||| || || ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:37 774 GCAGATAGGAAGAAGATGGCCGCACTTGATACCTTCTCTTTACCTCGGAGTCTGTGAACG 833
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:36 186 AGGGACACCCCTGACAAGCTCTGGGACCAGGTCTCAGATGCCGTTCTTGACGCTTGCCTTG 245
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:37 834 AGGGCCACCCCTGACAAGCTCTGGCACCAGTCTCAGATGCTGTGCTTGATGCCTGCCTCG 893
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:36 246 CTGAGGACCCCTGACAGCAGGTTGCTTGTGAGACCTGCACCAAGACCAACATGTCATGG 305
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:37 894 CCGAGGACCCCTGACAGCAAGTTCGCTTGTGAGACCTGCACCAAGACAACATGTCATGG 953
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:36 306 TCTTTGGTGAGATCACCAACCAAGGCCAATGTCGACTACGAGAAGATTGTCAGGAGACCT 365
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:37 954 TCTTTGGTGAGATCACCAACCAAGGCTAACGTTGACTATGAGAAGATTGTCAGGAGACAT 1013
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:36 366 GCCGCAACATTGGTTTTTGTGTCAAACGATGTCGGGCTTGACGCTGACCACTGCAAGGTGC 425
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:37 1014 GCCGTAACATCGGTTTTTGTGTGAGCTGATGTCGGTCTCGATGCTGACCACTGCAAGGTGC 1073
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:36 426 TCGTGAACATTGAGCAGCAGTCCCTCTGATATTGCTCAGGGTGTGCTATGCCACTTCACCA 485
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:37 1074 TTGTGAACATCGAGCAGCAGTCCCTCTGACATTGCACAGGGTGTGACGGGCACTTCACCA 1133
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:36 486 AGCGCCCGAGGAGATTGGAGCTGGTGACCAAGGACACATGTTCCGGGTATGCGACCGATG 545
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:37 1134 AGCGCCCTGAGGAGATTGGTGTGCTGGTGACCAAGGACACATGTTGGATATGCAACTGATG 1193
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:36 546 AGACCCCTGAGTTGATGCCCTCAGCCATGTCCTTGCCACCAGCTAGGTGCTGCTCA 605
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:37 1194 AGACCCCTGAGTTGATGCCCTCAGCCATGTCCTTGCTACCAAGCTTGGCGCTGCTCTTA 1253
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

```

FIG. 6 (Continued)

SEQ	ID	NO:36	606	CCGAGGTCGCGAAGAACGGAACTGCCCTGGCTCAGGCCTGATGGGAAGACCCAGGTGA	665
SEQ	ID	NO:37	1254	CGGAGGTTGCGAAGAATGGGACCTGCGCATGGCTCAGGCCTGACGGGAAGACCCAAGTGA	1313
SEQ	ID	NO:36	666	CAGTCGAGTACCGCAATGAGGGTGGTGCCATGGTCCCCATCCGTGTCCACACCGTCCTCA	725
SEQ	ID	NO:37	1314	CTGTTGAGTACCGCAATGAGAGCGGTGCCAGGGTCCCTGTCCGTGTCCACACCGTCCTCA	1373
SEQ	ID	NO:36	726	TCTCCACCCAGCAGCAGACAGTACCAATGATGATCGCTGCTGACCTGAAGGAGC	785
SEQ	ID	NO:37	1374	TCTCTACCCAGCATGATGAGACAGTACCAACGATGAGATTGCTGCTGACCTGAAGGAGC	1433
SEQ	ID	NO:36	786	ATGTCATCAAGCCTATCATCCCTGAGCAGTACCTTGACGAGAAGACCATCTTCCACCTTA	845
SEQ	ID	NO:37	1434	ATGTCATCAAGCCTGTCAATCCGAGCAGTACCTTGATGAGAAGACAATCTTCCATCTTA	1493
SEQ	ID	NO:36	846	ACCCATCCGGCCGCTTTGTCAATGGTGGACCTCAGCGCGATGCTGGCCCTCACTGGCGCGCA	905
SEQ	ID	NO:37	1494	ACCCATCTGGTCGCTTCGTCAATGGCGGACCTCATGGTGATGCTGGTCTCACTGSCCGGA	1553
SEQ	ID	NO:36	906	AGATCATCATTTGACACCTACGGTGGCTGGGAGCCCATGGCGGTGGCGCTTTCTCCGGCA	965
SEQ	ID	NO:37	1554	AGATCATCATTTGACACTTATGGTGGCTGGGAGCTCACGGTGGTGGTGCCTTCTCTGGCA	1613
SEQ	ID	NO:36	966	AGGACCCCAACCAAGGTTGACCCGACGCGGAGCCTATGTCGCGAGGCGAGGCTGCCAAGAGCA	1025
SEQ	ID	NO:37	1614	AGGACCCCAACCAAGGTTGACCCGAGTGGAGCATACGTGCGAAGGCAAGCTGCCAAGAGCA	1673
SEQ	ID	NO:36	1026	TCGTGCGCCAGCGGCCTTGCTCGCGCGGCCCATCGTCCAGGTGTCTACGCCATCGGCGTGC	1085
SEQ	ID	NO:37	1674	TTGTTGCTAGTGGCCTTGCTCGCGCGTGCATTTGTCGAAGTATCATACGCCATCGGTGTCC	1733

FIG. 6 (Continued)

[illegible]

[illegible]

SEQ	ID	NO:38	560	CCATGGTTGAGGCCTGATGGGAAACCCCAAGTGACTGTTGAGTATTACAATGACAACCGGT	619
SEQ	ID	NO:40	603	GCCTGGTTGAGGCCTGATGGCAGACCCCAAGTTACTGTTGAGTAGCAATGACAATGGT	662
SEQ	ID	NO:38	620	GCCATGGTTCAGTTCGTGTCCACACTGTGCTTATCTCCACCCCAACATGATGAGACTGTG	679
SEQ	ID	NO:40	663	GCCATGGTTCCAATAGGGTACACACTGTTCTTATCTCCACCCCAACAGATGAGACCGTT	722
SEQ	ID	NO:38	680	ACCAACGACGAAATTGCAGTGCACCTCAAGGAGCATGTGATCAAGCCGGTGATCCCGGAG	739
SEQ	ID	NO:40	723	ACCAATGATGAGATTGCCCGCGACCTTAAGGAGCATGTCAATCAACCCAGTCAATCCAGAG	782
SEQ	ID	NO:38	740	AAGTACCTTGATGAGAAGACCAATTTCCACTTGAACCCCTCTGGCCGTTTTGTCAATTGGA	799
SEQ	ID	NO:40	783	AAGTACCTTGATGAGAATACTATTTCCACCCTTAACCCCATCTGGCCGATTCTGTTATTGGT	842
SEQ	ID	NO:38	800	GGTCCTCACGGTGATGCTGGTCTCACCGCGCCGAAGATCATCATCGATACTTACGGAGGA	859
SEQ	ID	NO:40	843	GGACCTCATGGTGATGCTGGTCTCACTGGTCTGTAATAATCATATCGACACTTATGTGGT	902
SEQ	ID	NO:38	860	TGGGTGCTCATGTGTGGTGGTCTTCTCCGGGAAGGATCCCAAGTTGTATAGGAGT	919
SEQ	ID	NO:40	903	TGGGTGCTCATGTGTGGTGGTCTTCTCGGGCAAGACCCCAACCAAGGTCGACAGGAGT	962
SEQ	ID	NO:38	920	GGTGCTTACATTGTGAGACAGGCTGCTAAGAGCATTTGGGCAAGTGGAAGTACCGCAAGG	979
SEQ	ID	NO:40	963	GGTGATACATTGTAAAGCAGGCTGCAAAAGAGTATCGTAGCTAGTGGACTTGCTCGTAGA	1022
SEQ	ID	NO:38	980	TGCATTGTGCAAGTGCTTTATGCCATTGGTGTGCCCGAGCCCTTTGTCTGTCTTTGTTCAC	1039
SEQ	ID	NO:40	1023	TGCATCGTGCAGGTATCTTTATGCCATCGGTGTGCCCTGAGCCATTGTCTGTATTTCGTTGAC	1082

FIG. 7 (Continued)

```

SEQ ID NO:38 1040 ACCTATGGCACCGGAAGATCCATGATAAGGAGATTCTCAACATTTGTGAAGGAACTTTT 1099
||||| || | ||||| || | ||| || | || | ||||| |||||
SEQ ID NO:40 1083 ACCTATGGCACTGGAAAGATCCTGCACAGGGAATTTTGAAGATCGTTAAGGAGAATTTT 1142
||||| || | ||||| || | ||| || | ||| || | ||||| |||||

SEQ ID NO:38 1100 GATTCAGGCCCGGTATGATCTCCCATCAACCTTGATCTCAAGAGGGGTGGGAATAACAGG 1159
||||| || | ||||| ||||| ||| || | ||||| ||||| ||| ||
SEQ ID NO:40 1143 GACTTCAGACCCTGGGAATGATGTCCATTAACTTGGATTTGAAGAGGGGTGGCAATAGAAGA 1202
||||| || | ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||

SEQ ID NO:38 1160 TTCTTGAAGACTGCTGCATATGGACACATTTCGGCAGAGAGGACCCCTGACTTCACATGGGAA 1219
||||| ||||| ||||| ||||| ||||| || | ||||| || | ||||| |||||
SEQ ID NO:40 1203 TTCTTGAAAAC TGCTGCCTATGGTCACCTTTGGACGTGATGACCCCGATTTACATGGGAA 1262
||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

SEQ ID NO:38 1220 GTGGTCAAGCCCCTCAAGTGGGAGAAGGCCCTAAGGCCATTTCATTCACCTGCAATGTGCTG 1279
||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
SEQ ID NO:40 1263 GTTGTCAAGCCCCTCAAGTGGGAAAAGCCCCCAAGACTAATAAGTGCTTGCCTATGTTTTT 1322
||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

SEQ ID NO:38 1280 GGAGTTTTTT 1289
|||||
SEQ ID NO:40 1323 GTTCTTTGTT 1332

```

SEQ ID NO:42	41	AGCAGCGCAAGGGCATCGCTAGCACTAAAGAAATGGCAGCGCAGACGTTCTCTCTCACGT	100
SEQ ID NO:43	23	AACCTGCACGAGAGCATCTCTACCAACCBAAGAAATGGCGCGCAGACGTTCTCTTTCACGT	82
SEQ ID NO:42	101	CCGAGTCTGTGAACGAGGGGCCATCCCGACAAGCTCTGTGACCAAGTCTCCGACGCCGTCT	160
SEQ ID NO:43	83	CCGAGTCCGTGAACGAGGGGCCATCCCGACAAGCTGTGCGACCAAGTCTCTGACGCCGTCT	142
SEQ ID NO:42	161	TGAGTGCCTGCTTGGCCCCAGGATGCCGACGAAGGTCGCTGCGAGACCGTCAACCAAGA	220
SEQ ID NO:43	143	TGGACGCTGCTTGGCCCCAGGATCTGACAGCAAGGTTGCTTGGAGACCTGCACCAAGA	202
SEQ ID NO:42	221	CCAACTGGTCATGCTTGGCGGAGATCACCAACCAGGCCACCGTCGACTATGAGAAGA	280
SEQ ID NO:43	203	CCAACTGGTCATGCTTGGCGGAGATCACCAACCAGGCCACCGTTGACTATGAGAAGA	262
SEQ ID NO:42	281	TCGTGCGTGACACCTGCGCAACATCGGTTTCATCTCTGATGACGTTGGTCTCGACGCCG	340
SEQ ID NO:43	263	TTGTGCGCGACACCTGCGGTGACATCGGCTTCATCTCTGACGACGTCGGTCTCGATGCCG	322
SEQ ID NO:42	341	ACCGTTGCAARGTGCTGCTCAACATCGAGCAGCAGTCCCCTGACATTGCCAGGGGTGTC	400
SEQ ID NO:43	323	ACCATTGCAAGGTGCTGCTCAACATCGAGCAGCAATCCCCTGACATTGCCAGGGGTGTC	382
SEQ ID NO:42	401	ATGGACACTTCACCAAGCGTCCCGAAGAAGTCGGCGCGGTGACCAGGGCATCATGTTCCG	460
SEQ ID NO:43	383	ACGGACACTTCACCAAGCGTCCAGAAAGAGGTGCGCGCGGTGACCAGGGCATCATGTTTG	442

SEQ	ID	NO:42	941	ARGCCGCCAAGAGCATCATCGCCAGCGGCCCTCGACAGCCGCTGCATTTGTGCAGATCTCAT	1000
SEQ	ID	NO:43	923	AGGCTGCCAAGAGCATCATCGCCAGCGGCCCTCGACAGCCGCTGCATTTGTGCAGATCTCAT	982
SEQ	ID	NO:42	1001	ACGCCATCGGTGTGCCTGAGCCCTTTGTCTGTGTTCGTTCGACTCCTACGGCACC GGCAAGA	1060
SEQ	ID	NO:43	983	ATGCCATCGGTGTACCTGAGCCCTTTGTCTGTGTTCGTTCGACTCCTACGGCACTGGCAAGA	1042
SEQ	ID	NO:42	1061	TCCCCGACAGGAGATCCTCAAGCTCGTGAAGGAGAACTTTGACTTCAGGCCCGGGGATGA	1120
SEQ	ID	NO:43	1043	TCCCTGACAGGAGAGATCCTCAAGCTCGTGAAGGAGAACTTTGACTTCAGACCCGGGATGA	1102
SEQ	ID	NO:42	1121	TCAGCATCAACCTGGACTTTGAAGAAAGGTGGAACAGGTTTCATCAAGACCGCTGCTTACG	1180
SEQ	ID	NO:43	1103	TCAGCATCAACCTCGACTTTGAAGAAAGGTGGAACAGGTTTCATCAAGACAGCTGCTTACG	1162
SEQ	ID	NO:42	1181	GTCACCTTTGGCCGTGATGATGCCGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCCTCAAGTTTCG	1240
SEQ	ID	NO:43	1163	GTCACCTTTGGCCGCGATGATGCTGACTTCACCTGGGAGGTGGTGAAGCCCTCAAGTTTCG	1222
SEQ	ID	NO:42	1241	ACAAGGCATCTGCCTAAGAGCATGGCAT	1268
SEQ	ID	NO:43	1223	ACAAGGCATCTGCTTTAAGAAAGACAT	1250
SEQ	ID	NO:42	1271	TCTTGGTCTGCCGCCCTCTCAAGTTTCGTCAAGACGGGATCATGTTGCTCCTGGGAAGTGGG	1330
SEQ	ID	NO:43	1266	TCTTGGTCTCATGCCCTCTCAAGTTTCGGCAAGCGGGATCCCTTTGCTCCTCGGAAGTAAG	1325
SEQ	ID	NO:42	1331	AAGAAGCATTAGACATTG	1348
SEQ	ID	NO:43	1326	AAGAAGCATTCAAACATCG	1343